中華農業研究(J. Agric. Res. China) 52:144~152 (2003)

利用 RAPD 技術分析桃種原親緣關係 [1]

溫英杰 [2,4]　許財誠 [3]

摘　要

溫英杰、許財誠。2003。利用 RAPD 技術分析桃種原親緣關係。中華農業研究 52：144-152。

利用 RAPD 技術對 29 個桃品種進行遺傳相似度分析，篩選出 35 條隨機引子共擴增 305 條條帶，其中多態性條帶 229 條占 75.1%。群集分析結果，29 個試驗品種共分爲七群，其中來自巴西、美國、華南的桃種原與矮性桃各自聚爲一群，華中桃與日本桃種原另成一群，雞珍桃與離核晚桃則各自成爲一群，顯示日本桃品種可能源自大陸華中地區。在所分析的品種中，遺傳相似度係數介於 0.73-0.93 之間，Flordabelle 和 Flordagrande 的遺傳相似度係數達 0.96，顯示兩品種之親緣關係最近，雞珍桃與其餘試驗品種的遺傳相似度係數爲 0.73，與其他品種的親緣關係最遠。

關鍵詞：桃、種原、逢機增殖多型性 DNA。

前　言

桃(*Prunus persica* (L.) Batsch.)爲薔薇科(Rosaceae)重要果樹，起源於中國大陸，是世界上第六大果樹產業，次於柑桔、葡萄、香蕉、蘋果和梨，栽培面積 175 萬公頃，年產量約爲 1320 萬公噸，是廣受消費大眾歡迎的水果。桃經過長久的自然演進，演化出豐富的遺傳多樣性，經過人爲的選拔，形成眾多的品種和類型，已知的品種超過 3000 種。以果實的形狀區分，除了常見的普通桃外，還有果皮光滑無毛的油桃及扁平的蟠桃，果肉顏色有白色、黃色和紅色。以樹形區分，有常見的普通型，直立型，垂枝型和矮性型等。以往的分類方法，多以外表型態、用途和分布特徵等爲依據，常有同名異物或異名同物的現象發生。例如大陸與台灣各地都對果頂有尖狀突出的桃子叫做鶯歌桃或鶯嘴桃，此一情況對引種、種原保存及評估都會產生困擾。1990 年美國杜邦公司的研究小組 Williams 提出了一種隨機擴增多型性 DNA(random amplified polymorphic DNA，簡稱 RAPD)分子標記技術， 由於此技術具有檢測 DNA 多型性的獨特方式，以及快速和簡便等特點，所以很快地應用在許多關於基因組的研究(Williams *et al.* 1990)。RAPD 是根據 DNA 聚合酵素連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)，以人工隨機合成的 DNA 分子作引子(primer)，將取自組織中的基因組 DNA 爲模板，經過 PCR 反應器，進行多型性 DNA 片段的隨機合成。如果引子與某一片段的模板 DNA 具有互補核甘酸序列，則該引子就會結合到單鏈

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2157 號。接受日期：92 年 4 月 28 日。
2. 本所作物種原組副研究員。臺灣省　臺中縣　霧峰鄉。
3. 本所作物種原組前計畫助理。臺灣省　臺中縣　霧峰鄉。
4. 通訊作者，電子郵件：icwen@wufeng.tari.gov.tw；傳眞機：(04)23331673。

的 DNA 上去，如此可以對整個基因組 DNA 進行多型性分析，可用尋找特定基因標誌，以及用於種和品種的演化、分類和鑑定等。

由於進行 RAPD 分析時可用引子數目很多，雖然對每一引子檢測基因組 DNA 多型性的區域有限，但如果利用一系列引子，則可使檢測的區域能觸及整個基因組。利用不同的引子進行 PCR 反應，能獲得不同長度的 DNA 片段，這些 DNA 片段可作爲鑑定不同分類等級的分子性狀，根據電泳譜條帶的差異，可以計算遺傳距離或相似系數，建立譜系關係樹狀圖，用來鑑別它們的差異程度及親緣關係。

由於不同的分子標記可以在不同的類群中產生獨特的帶型，或者得到種或種以上分類等級特異性的帶，因此 DNA 分子標記用於種級的分類的研究越來越多，國內利用此一技術來鑑定種原親緣關係的作物有百合(李 1997)、花生(范等 1999)、番椒(王等 1997；林 1998)及火鶴花(王等 2001)等，木本作物則尙少見報告。在其它國家方面，則有許多報導，Lanham & Brennan 曾對樹莓三個種的 37 個個體進行 RAPD 分類(Lanham & Brennan 2001)，至於在品種、品系間已進行分類鑑定的有蘋果(Harada *et al.* 1993；Koller *et al.* 1993)、梨(Botta *et al.* 1998；Oliveira *et al.* 1999)、桃(楊等 2001；程等 2001；Chaparro *et al.* 1994；Quarta *et al.* 2000；Warburton & Bliss 1996.)、李(Bellini *et al.* 1998)、柿(羅等 1998)、栗(Botta *et al.* 1999)、仁用杏(Bartolozzi *et al.* 1998)、芒果(鄧等 1999；Schnell *et al.* 1995)、枇杷(潘等 2002)、荔枝(Anuntalabhochai *et al.* 2002)、葡萄(Fanizza *et al.* 1999；Moreno *et al.* 1995；Qu *et al.* 1996)、胡桃(Nicese *et al.* 1998)、木瓜(Sondur *et al.* 1996；Stiles *et al.* 1993)、香蕉(Damasco *et al.* 1996)、橄欖(Wiesman *et al.* 1998)、酪梨(Fielder *et al.* 1998)等，此說明 RAPD 技術已在許多種果樹上得到廣泛的應用。

農業試驗所羅娜種原保存園收集及保存桃種原超過 300 種，來自其他國家的桃種原與本省早年自華南地區引進的桃品種，彼此的遺傳相似性有待明瞭，以作爲育種及種原核心保存之參考，是爲本試驗之目的。

材料與方法

植物材料

由農試所羅娜種原保存園、台大梅峰山地實習農場及武陵農場選取供試種原 29 種，其來源及部分特性詳如表 1。

DNA 之抽取方法

從不同植株採取新鮮的嫩葉 0.1~0.2g，利用液態氮脫水乾燥，再研磨成粉末。加入 65℃DNA 萃取緩衝液(100mM Tris-HCl，pH8.0；20mM EDTA；1.4M NaCl；2%(w/v) CTAB；1%(v/v) PEG6000；0.5%(v/v) 2-Mercaptoethanol)600 μl，輕輕混勻後，置於 65℃水浴鍋中 30min，取出靜置至室溫。加入 600 μl chloroform-isoamyl alcohol(24：1，v/v)，混勻，以 9000rpm (MICRO 240A，Denville Scientific Inc.)離心 10min。取上層液至新的微量離心管中，加入 400 μl 的異丙醇，混勻，以 9000rmp 離心 10min。去上清液，加入 1ml 的 washing buffer (76%(v/v) ethanol；10mM ammonium acetate)清洗沈澱物，9000rmp 離心 10 分鐘。去上清液，沈澱物以眞空乾燥之。沈澱物溶於 50 μl.TE.緩衝液(10mM Tris-HCl，pH7.4；1mM EDTA)中，加入 RNaseA，使其最後濃度爲 50mg/ml，於 37℃下反應 1hr。將 DNA 稀釋 100 倍，利用光電比色計測定 OD_{260} 的吸光值，計算 DNA 的濃度。

聚合酵素連鎖反應(Polymerase Chain Reaction，PCR)與電泳分析

以 50 ng 的 genomic DNA 當模板，在總體積 25 μl 反應溶液中進行聚合酵素連鎖反應。其溶液中另含有 10 mM Tris-HCl，pH9.0；50mM KCl；0.1% Triton X-100；2.5mM $MgCl_2$；200mM dNTP (dATP，dCTP，dGTP，dTTP)；0.2mM 引子(primer)及 0.5unit Taq DNA polymerase，引子採用 Operon kit (Operon kit : OPAA-OPAE, OPB, OPD, OPE, OPG, OPH 及 OPI)，並在溶液上層加入 50 μl 左右的礦物油，置入 DNA 熱循環儀(STRATAGENE, RoboCycler Gradient 96 Temperature Cycler) 中。反應溫度條件爲 94℃

3min→36℃ 1min20sec→72℃ 1min20sec，當第一個循環(cycle)；再以 94℃ 1min→36℃ 1min20sec→72℃ 2min20sec，進行 44 個循環，反應完成時自動保存於 4℃恆溫槽中。

取 12μl 經聚合酵素連鎖反應增殖的 DNA，加入 1μl 稀釋 6 倍電泳指示液(loading dye,30% Glycerol；0.025% Bromophenol blue)，以 2% 瓊脂膠體(Agarose, Boehringer Mannheim GmbH Germany)進行電泳，時間約 25min，結束後用 0.5mg/ml ethidium bromide 染色 20-30min，於 UV 燈下觀察膠體 DNA 多型性片段，照相及貯存影像于 Kodak Digital Science ID Image Analysis(Eastman Kodak Co.)影像分析系統，進行資料比對分析。

資料分析

依 Jaccard 所提之相似度計算公式計算各族群間的相似度(Jaccard 1901)，其公式如下：Nab/ (Na+ Nb-Nab)，其中 Na 是樣本 a 的條帶數，Nb 是樣本 b 的條帶數，Nab 是樣本 a 和 b 共有的條帶數。依此法將所有樣本間兩兩的相似度計算出。並利用 NT-SYS 軟體所提供的未加權平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)(Rohlf 1997)來計算其放大 DNA 片段相似性，及建立其親緣關係圖。

表 1. 試驗所用桃品種特性及來源

Table 1. The origin and characteristics of peaches used for experiment

No.	cultivar	Chilling requirement	Flesh color[z]	Tree size	Original country
1	Tutu	Low	W	Normal	Brazil
2	Premier	Low	W	Normal	Brazil
3	Talisma	Low	W	Normal	Brazil
4	Alo Doyura	Low	W	Normal	Brazil
5	P112	Low	W	Normal	U.S.A.
6	Flordaprince	Low	Y	Normal	U.S.A.
7	Flordabelle	Low	Y	Normal	U.S.A.
8	Flordagrande	Low	Y	Normal	U.S.A.
9	TropicBeauty	Low	Y	Normal	U.S.A.
10	TropicSnow	Low	W	Normal	U.S.A.
11	TropicSweet	Low	Y	Normal	U.S.A.
12	Red Heaven	High	Y	Normal	U.S.A.
13	Zoritto	Low	Y	Dwarf	U.S.A.
14	Swatow	Low	W	Dwarf	China
15	Chi ChenTao(雞珍桃)	Low	W	Normal	Taiwan
16	Ing Go Tao(鶯歌桃)	Low	W	Normal	Taiwan
17	Fu Chou Da Tao(福州大桃)	Low	W	Normal	China
18	Shan Yueh Tao(三月桃)	Low	W	Normal	Taiwan
19	Szu Yueh Tao(四月桃)	Low	W	Normal	Taiwan
20	Chao Tien Tao(早甜桃)	Low	W	Normal	China
21	Tě An Bai Tao(德安白桃)	High	W	Normal	China
22	Shenzhou Sui Mi(深州水蜜)	High	W	Normal	China
23	Shanhai Sui Mi(上海水蜜)	High	W	Normal	China
24	Hua Hsien Sui Mi Tao(華仙水蜜桃)	Low	W	Normal	China
25	Nakatsu Hakuto(中津白桃)	High	W	Normal	Japan
26	Odama Hakuho(大玉白鳳)	High	W	Normal	Japan
27	Aki Hakuto(秋白桃)	High	W	Normal	Japan
28	Sunago Wase(砂子早生)	High	W	Normal	Japan
29	Li Ho Wan Tao(離核晚桃)	Low	W	Normal	Taiwan

[z] Y=yellow;W=white.

結　　果

DNA 抽取及純化

木本作物因二次代謝物多，其 DNA 的抽取及純化較難。桃因單寧、多糖體、酚類及色素較多，DNA 抽取更為困難，其中酚類氧化後與 DNA 緊密結合，純化難度也較高(郭等 2002)。在試驗過不同時期及不同部位組織的 DNA 抽取率後，結果以春天剛萌芽之嫩葉 DNA 抽取百分率最高，純化也較容易。DNA 的抽取採用修正過之 CTAB 法，所得的 DNA OD_{260} 值在 1.84 以上。

RAPD 分析

以 Operon kit 220 條逢機引子(Operon kit : OPAA-OPAE, OPB, OPD, OPE, OPG, OPH 及 OPI)篩選試驗材料，得到 35 個引子對試驗材料之 DNA 可呈現多型性且再現性較為良好(OPAA3, OPAA14, OPAA19, OPAB3, OPAB9, OPAB18, OPAC4, OPAC7, OPAC12, OPAE14, OPAE15, OPB5, OPB7, OPB12, OPB18, OPD2, OPD5, OPD11, OPE18, OPE20, OPG2, OPG5, OPG6, OPG14, OPG16, OPG17, OPH3, OPH8, OPH12, OPH18, OPH19, OPI3, OPI6, OPI7, OPI9)。由此 35 個引子所獲得的 RAPD 產物在電泳膠片上總共產生 305 個可辨識之條帶，其中 229 條多型性條帶，占 75.1%。每個逢機引子擴增的 DNA 條帶數在 4-14 條之間，條帶大小介於 236 bp 至 2814 bp 。OPH12 引子擴增的 RAPD 產物圖譜如圖 1。OPAA3 經 PCR 反應結果，其中一個 RAPD 片段(bp705)為雞珍桃品種標誌之特定條帶(圖 2)

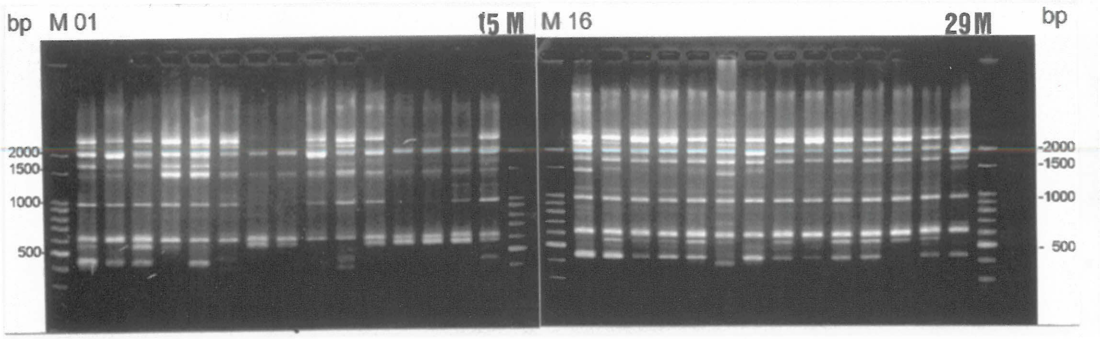

圖 1. 以 OPH12 為引子之 29 個桃品種 RAPD 圖譜。

Fig. 1. RAPD Patterns of 29 varieties of peach obtained with primers OPH12. Numbers at top refer to the number column in Table1. M= molecular weight marker.

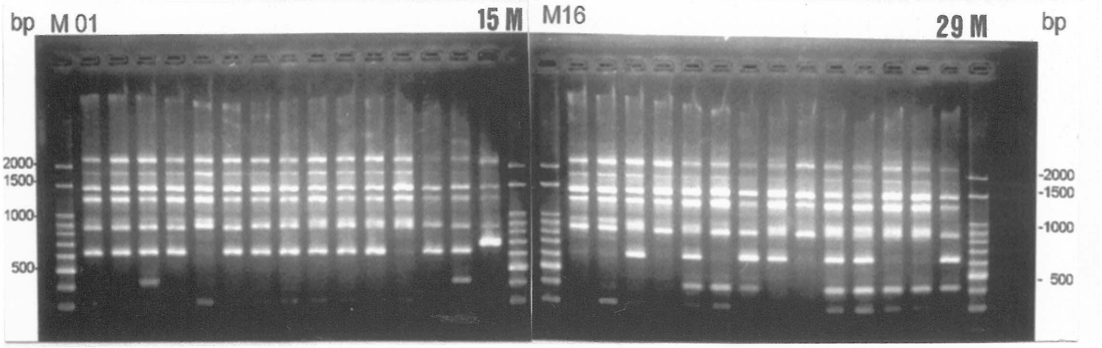

圖 2. 以 OPAA3 為引子之 29 個桃品種 RAPD 圖譜。

Fig. 2. RAPD Patterns of 29 varieties of peach obtained with primers OPAA3. Numbers at top refer to the number column in Table1. M= molecular weight marker.

親緣關係分析

將篩選得到的 35 條逢機引子其 RAPD 產物產生之 305 個可辨識之條帶，進行未加權平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)群集分析，並以 Jaccard's 相似度係數分析，來估算試驗品種間之遺傳相似係數。再以相似度係數矩陣(similarity coefficient matrix)繪製相似度樹狀圖(dendiagram)，相似度越高代表親緣關係越近。分析結果 29 個桃種原可分爲七群：來自巴西的 Tutu, Premier, Tailisma, Alo Doyura 爲第一群。第二群包括 P112, Flordaprince, Tropicsweet, Tropicbeauty, Flordabell, Flordagrande, Tropicsnow, Red Heaven 皆爲引自美國的品種。矮性桃 Zoritto 和 Swatow 構成第三群。第四群爲台灣早年自華南引進之桃品種，有鶯歌桃、福州大桃、華仙水蜜桃、四月桃。第五群由三月桃、早甜桃、德安白桃、深州水蜜、上海水蜜、中津白桃、大玉白鳳、秋白桃、砂子早生九個品種所構成，主要爲華中及日本桃品種。雞珍桃及離核晚桃則各自成爲一群(圖 3)。在所分析的品種中，遺傳相似度係數介於 0.73-0.93 之間 Flordabelle 和 Flordagrande 的遺傳相似度係數達 0.96，顯示其親緣關係最近，雞珍桃與其餘試驗品種的遺傳相似度係數爲 0.73，與其他品種的親緣關係最遠，離核晚桃與其餘試驗品種的遺傳相似度係數爲 0.74，爲與其他品種親緣關係次遠的品種。

討　論

根據野生桃的分布一般相信桃起源於中國大陸，經由自然演化及人爲選育品種，衍生出各式各樣的桃品種。本試驗依據 RAPD 標誌分析結果繪出遺傳相似度樹狀圖，大致可將試驗品種分爲東方品種及西方品種兩群，兩群的交會點爲矮性桃品種群，Swatow 爲源自華南的矮性桃，Zoritto 爲美國育出的矮性桃，親本之一即爲 Swatow(Okie1998)。西方品種群又因來源不同分爲巴西及美國兩亞群，東方品種群分爲華南品種、華中及日本品種兩亞群以及雞珍桃和離核晚桃兩個獨立品種，各亞群之遺傳相似度係數相近爲 0.8-0.81 之間，顯示亞群間人爲及自然演化進程相距不遠。經 RAPD 分析結果可將中國的華中桃品種與日本品種歸爲一群，顯示日本桃品種可能源自大陸華中地區。雞珍桃和離核晚桃與其他品種的遺傳相似度較低，表示與其他品種歧異性較大，在種原保育及研究上値得重視。Quarta 等(2000)利用 RAPD 技術研究義大利 66 個桃及油桃種原之親緣關係，結果顯示遺傳相似度係數在 0.8-1(同物異名)之間，大部分介於 0.9-1。本試驗結果本省保存之桃種原其遺傳歧異度較義大利所保存者爲高。

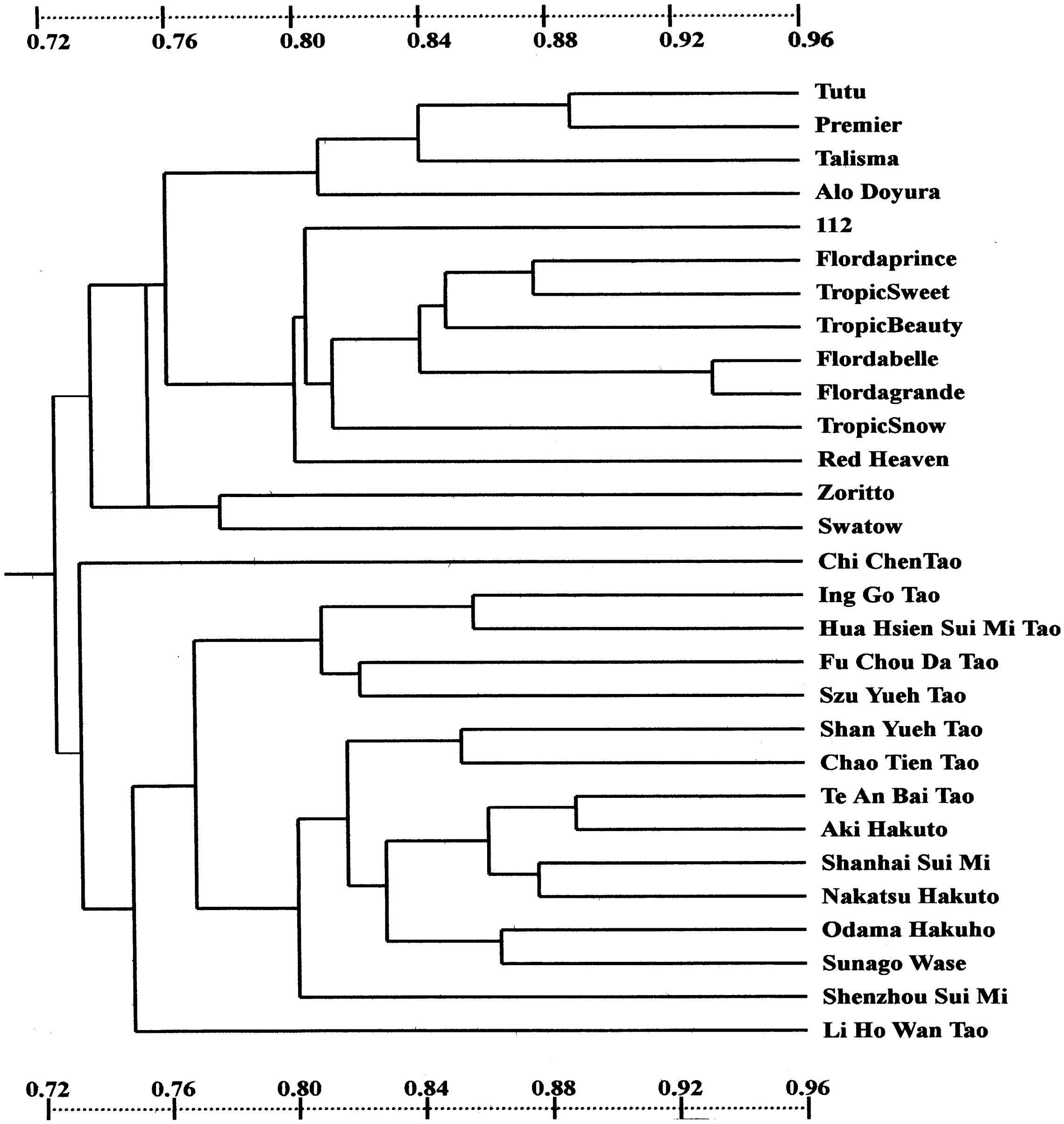

圖 3. 29 個桃品種之 RAPD 遺傳相似度聚類分析樹狀圖。

Fig. 3. Dendrogram of 29 peach varieties constructed by Jaccard's distance and UPGMA clustering method.

引用文獻

王昭月、范明仁、羅舜芳。1997。利用 RAPD 分子標誌估測番椒屬種原歧異性之研究。中華農業研究 46(4):314-323。

王昭月、莊耿彰、范明仁。2001。以 ISSR 與 RAPD 分子標誌分析火鶴花栽培種間遺傳相似性。中華農業研究 50(1):54-67。

李文立。1997。台灣原生鐵炮百合及台灣百合形態調查與 RAPD 多型性分析。國立台灣大學碩士論文。72 頁。

林政潔。1998。利用型態性狀與 RAPD 標誌在番椒品種鑑別應用之研究。國立中興大學碩士論文。146pp. 台中。台灣。

范明仁、王昭月、羅舜芳、許庭榮、曹文隆、楊金興、鄭耀星。1999。台灣落花生種原親緣關係之研究。II.應用 RAPD 進行落花生種原親緣關係之研究。中華農業研究 48(2):67-85。

郭金英、范崇輝、王力榮、朱更瑞、方偉超、李紅娟。2002。桃基因組 DNA 提取方法及部位的比較研究。果樹學報 19(3):205-207。

程中平、陳志偉、胡春根、鄧秀新、羅正榮。2001。利用 RAPD 標記對桃品種特殊種質分析。果樹學報 18(4):217-220。

楊新國、張開春、秦嶺、王永熙。2001。桃種質親緣演化關係的 RAPD 分析。果樹學報 18(5):276-279。

潘新法、孟祥勛、曹廣力、徐春明。2002。RAPD 在枇杷品種鑑定中的應用。果樹學報 19(2):136-138。

鄧九生、賴至昌、彭民璋。1999。幾個芒果品種的 RAPD 分析。果樹科學 16(2):156-158。

羅正榮、米森敬三、杉浦明。1998。應用 RAPD 技術研究柿品種間的親緣關係。果樹科學 15(4):311-316。

Anuntalabhochai, S., R. Chundet, J. Chiangda and P. Apavatjrut. 2002. Genetic diversity within Lychee (*Litchi chinensis* Sonn.) based on RAPD analysis. Acta Hortic. 575:253-260.

Bartolozzi, F., M. L. Warburton, S. Arulsekar, and T.M. Gradziel. 1998. Genetic characterization and relatedness among California almond cultivars and breeding lines detected by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 123(3):381-387.

Bellini, E., E. Giordani, V. Nencetti and D. Paffetti. 1998. Genetic relationships in Japanese plum cultivars by molecular markers. Acta Hortic. 478:53-59.

Botta, R., A. Akkak, and V. Casavecchia. 1998. Identification of pear cultivars by molecular markers. Acta Hortic. 457:63-70.

Botta, R., A. Akkak, D.Marinoni, G. Bounous, S. Kampfer, H. Steinkellner and C. Lexer. 1999. Evaluation of microsatellite markers for characterizing chestnut cultivars. Acta Hortic. 494:277-282.

Chaparro, J. X., D. J. Werner, D. O'Malley, and R. R. Sederoff. 1994. Targeted mapping and linkage analysis of morphological isozyme and RAPD markers in peach. Appl. Genet. 87:805-814.

Damasco, O. P., Graham, G. C., Henry, R. J., Adkins, S. W., Smith, M. K., and I. D., Godwin. 1996. Random amplified polymorphic DNA(RAPD) detection of dwarf off-types in micropropagated Cavendish (*Musa* spp. AAA) bananas. Plant Cell Rep. 16:118-123.

Fanizza, G., G. Colonna, P. Resta, and G. Ferrara. 1999. The effect of the number of RAPD markers on the evaluation of genotypic distances in *Vitis vinifera*. Euphytica 107:45-50.

Fielder, J., G. Bufler, and F.Bamgerth.1998. Genetic relationships of avocado using RAPD markers. Euphytica 101:249-255.

Harada, T., K. Matsukawa, and T. Sato. 1993. DNA-RAPDs detect genetic variation and paternity in *Malus*. Euphytica 65:87-91.

Jaccard, P. 1901. Etude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura. Bull. Soc. Vaudoise Sci. Nat. 37:547-549.

Koller, B., A. Lehmann, J.M. McDermott, and C. Gessler. 1993. Identification of apple cultivars using RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 85:901-904.

Lanham P.G. and R.M.Brennan. 2001.Genetic diversity in *Ribus*. Acta Hortic. 546:135-144.

Moreno, S., Y. Gorgocena, and J.M. Ortiz. 1995. The use of RAPD markers for identification of cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L.). Sci. Hortic. 62:237-243.

Nicese, F.R., J.I. Hormaza, and G.H. McGranahan. 1998. Molecular characterization and genetic relatedness among walnut genotype based on RAPD markers. Euphytica 101:199-206.

Okie, W.R. 1998. Handbook of peach and nectarine varieties. USDA-ARS Agriculture Handbook No. 714, 814 pp.

Oliveira, C.M., M. Mota, L. Monte-Corvo, L. Goulao, and D.M. Silva. 1999. Molecular typing of *Pyrus* based on RAPD markers. Sci. Hort. 79:163-174.

Qu, X., J. Lu, and O. Lamikanra. 1996. Genetic diversity in Muscadine and American bunch grapes based on randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 121:1020-1023.

Quarta, R., M.T. Dettori, I.Verde, U. Marchesi and M.A. Palombi. 2000. Characterization and evaluation of genetic diversity in peach germplasm using RAPD and RFLP markers. Acta Hortic. 546:489-496.

Rohlf, F.J. 1997. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.0, Exeter Publications Setauket, New York.

Schnell, R.J., C.M. Ronning, and R.J. Knight, Jr. 1995. Identificaion of cultivars and validation of genetic relationships in *Mangifera indica* L. using RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 90:269-274.

Sondur, S.N., Manshardt, R.M. and J.I., Stiles. 1996. A genetic linkage map of papaya based on randomly amplified polymorphic DNA markers. Theor. Appl. Genet. 93:547-553.

Stiles, J.I., C. Lemme., S. Sondur., M.B. Morshidi, and R. Manshsrdt. 1993. Using randomly amplified polymorphic DNA for evaluating genetic relationships among papaya cultivars. Theor. Appl. Genet. 85:697-701.

Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, and S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acid Res. 18:6531-6535.

Warburton, M.L. and F.A. Bliss. 1996. Genetic diversity in peach (*Prunus persica* L. Batch) revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and compared to inbreeding coefficients. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 121:1012-1019.

Wiesman, Z. Avidan, N. Lavee, S. and B. Quebedeaux, 1998. Molecular characterization of common olive varieties in Israel and the west bank using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 123(5):837-841.

Genetic Relationship Analysis on Peach Germplasm by RAPD[1]

Ien-Chie Wen[2,4] and Tsai-Cheng Chieh[3]

Summary

Wen, I. C. and T. C. Chieh. 2003. Genetic relationship analysis on peach germplasm by RAPD. J. Agric. Res. China 52:144-152.

The genetic relationships among 29 peach cultivars were analyzed by using RAPD technology. A total of 220 primers were screened for their ability to produce strongly amplified products. Out of 35 primers amplified 305 DNA bands, 229 of which were polymorphic (75.1%). A dendrogram based on the UPGMA cluster analysis was constructed. All tested peach cultivars were divided into seven groups which were Brazilian peach group, American peach group, south China peach group, central China and Japan peach group, dwarf peach group, Li Ho Wan Tao group and Chi Chen Tao group. The results indicated Japan peach varieties may originate from central China. Flordabelle and Flordagrande had 96% similarity indexes, indicating the closest genetic relationship. Otherwise, Chi Chen Tao having 73% similarity indexes showed the farest genetic relationship with other tested peach varieties.

Key words：Prunus persica, Germplasm, RAPD.

1. Contribution No.2157 from Taiwan Agricultural Research Institute. Council of Agriculture. Accepted : April 28,2003.
2. Associate Researcher, Plant Germplasm Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Former Project Assistant, Plant Germplasm Division. TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
4. Corresponding author, e-mail：icwen@wufeng.tari.gov.tw ; Fax：(04)23331673.